Challenge Machine Learning : Classification en phase de sommeil avec Dreem

Marion Favre d'Echallens et Jean-Louis Truong

7 janvier 2019

1. Introduction

Ce challenge est réalisé en partenariat avec l'entreprise Dreem qui est une start-up spécialisée dans l'amélioration du sommeil des personnes.

Contexte du challenge

Ce challenge consiste à réaliser de la classification en stades de sommeil. Une nuit voit défiler plusieurs cycles de sommeil qui se composent tous d'une phase :

- d'éveil
- de sommeil léger
- de sommeil profond
- de sommeil paradoxal.

Un moyen de mesurer le sommeil est d'utiliser le polysomnographe qui relève notamment l'activité du cerveau, le mouvement des yeux et la tension musculaire afin d'évaluer la qualité du sommeil d'une personne.

Dans cette optique de mesure, la société Dreem a développé un bandeau qui fonctionne comme le polysomnographe et qui permet de mesurer trois types de signaux:

- l'activité électrique du cerveau grâce à un électro-encéphalogramme (EEG)
- le mouvement la position, la respiration grâce à un accéléromètre
- les battements sanguins grâce à un oxymètre de pouls.

Le challenge

Ce bandeau enregistre donc une certaines quantité de données par nuit et l'objectif de ce challenge est de développer un algorithme permettant, à partir des données de 30 secondes d'enregistrement du bandeau, dans quel stade de sommeil parmi les quatre cités plus haut se trouve la personne.

Nous avons pour cela à notre disposition 7 enregistrements d'encéphalogramme (sept positions différentes sur la tête), 1 enregistrement d'oxymètre et 3 enregistrement d'accéléromètre. Ces enregistrements sont de 30 secondes et ils sont labellisés i.e. nous connaissons le stade de sommeil associé.

2. Prétraitement des données

Les données sont présentées sous le format h5 afin de faciliter leur manipulation au vu de leur taille trés volumineuse. Nous disposons en effet de sept bases de données d'enregistrements d'encéphalogrammes contenant chacun 38289 lignes de 1500 valeurs, ce qui correspond à une fréquence de 50Hz. Les quatres autres bases de données ne contiennent que 300 valeurs par enregistrement (fréquence de 10Hz).

Afin de lire et manipuler ces données, nous utilisons le package `h5`de R.

L'objet `xtrain` contient les onze datasets à exploiter. Pour ce faire, nous les transformons en `dataframe` afin de les utiliser.

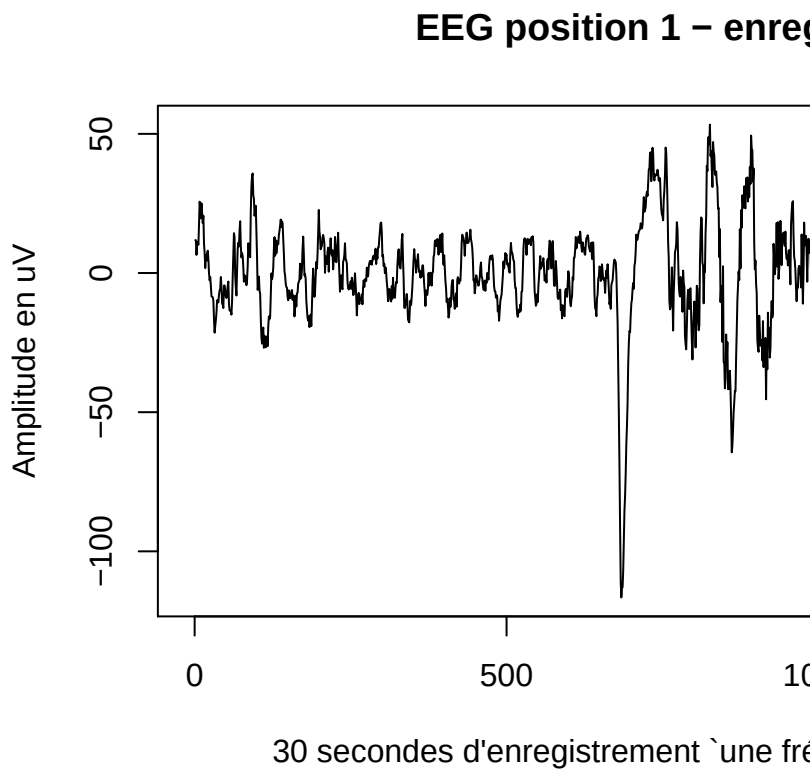
```
library(h5,warn.conflicts = FALSE)
```

```
## Warning: package 'h5' was built under R version 3.4.4
```

```
data_folder = "C:/Users/Admin/Documents/Centrale Paris/3A/OMA/Machine Learning/Challenge/Data/"
ytrain = read.csv(paste0(data_folder,"train_y.csv"))
xtrain = h5file(name = paste0(data_folder,"train.h5/train.h5"))
list.datasets(xtrain)
```

```
##  [1] "/accelerometer_x"         "/accelerometer_y"
##  [3] "/accelerometer_z"         "/eeg_1"
##  [5] "/eeg_2"                   "/eeg_3"
##  [7] "/eeg_4"                   "/eeg_5"
##  [9] "/eeg_6"                   "/eeg_7"
## [11] "/pulse_oximeter_infrared"
```

```
eeg1 = xtrain[list.datasets(xtrain, recursive = TRUE)[4]]
eeg1 = as.data.frame(readDataSet(eeg1))
```



On peut observer le premier enregistrement ci-dessous.

3. Extraction de features

Afin de construire un modèle de classification des données en stade de sommeil, nous avons extrait des signaux un certain nombre de features. Nous les avons ensuite testés en appliquant l'algorithme de classification présenté dans la section suivante afin de déterminer l'importance de leur influence sur la détermination du stade de sommeil.

Nous avons utilisé pour différentes approches pour le choix des features à extraire, suite à des recherches bibliographiques dont les sources sont citées plus bas.

Nous avons d'abord calculé des features basiques sur tous les signaux: l'écart-type et la moyenne du signal, la moyenne, le minimum et le maximum du signal en valeur absolue.

Ensuite, en nous appuyant sur les ondes caractéristiques présentes dans les différents stades de sommeil nous avons réalisé deux types de décomposition des signaux EEG. En effet, on peut distinguer quatre types d'onde entre 0 et 30Hz:

- les ondes alpha entre 8 et 13Hz
- les ondes theta entre 4 et 8Hz
- les ondes beta entre 13 et 30Hz
- les ondes delta entre 0.5 et 4Hz

Chaque stade de sommeil étant caractérisé par certains types d'onde ci-dessus, nous avons filtré le signal de chacun des 7 enregistrements EEG entre 0 et 30Hz et decoupé en quatre plages correspondant aux ondes citées. Sur chacune des plages, nous avons calculé la moyenne, la somme des amplitudes en valeur absolue ainsi que le ratio de la somme des amplitudes en valeur absolue de la plage sur celle du signal total filtré, que l'on peut appeler amplitude relative. Nous calculons également la somme des amplitudes au carré du signal total ainsi que les proportions de chacune des plages de fréquences dans le signal.

Parallèlement à cette décomposition, nous réalisons une décomposition en quatre ondelettes des enregistrements EEG. Cette décomposition se fait après un filtre de Daubechies appliqué au signal. On obtient alors les coefficients de chacune des 4 ondelettes. Nous calculons ensuite l'écart-type et l'entropie de Renyi de chaque ondelette. L'entropie est une mesure de l'énergie du signal, nous la calculons par une fonction de la bibliothèque seewave de R avec un coefficient de 0.5.

Après ces premiers calculs de features, nous remarquons que le stade de sommeil le plus dur à classer est le stade 1. Ce dernier est caractérisé notamment par les ondes alpha, c'est pourquoi nous décidons de calculer des features supplémentaires uniquement surt la plage de fréquence alpha des signaux EEG. Nous calculons ainsi l'écart-type, l'entropie de Renyi et la min-max distance de cette plage. La min-max distance est la somme des distances entre les points maximum et minimal du signal découpé en n intervalles.

4. Modèle utilisé - Description théorique

Nous utilisons l'algorithme de Random Forest pour la classification. Il s'agit d'un algorithme d'agrégation de modèles (boosting) qui consiste à rassembler des modèles simples afin d'aboutir à un modèle final performant. L'algorithme de RandomForest consiste en effet à générer un certain nombre de modèles simples(arbres de décision). Chaque modèle est généré sur un échantillon bootstrap des données, c'est-à-dire que l'on pioche avec remise n individus parmi N pour construire l'échantillon. On choisit également aléatoirement un sous-ensemble de variables pour créer le modèle sur cet échantillon. Il y a ainsi deux niveaux d'aléatoire dans l'algorithme de RandomForest: au niveau des individus et des variables piochés pour chaque modèle simple.

L'algorithme permet d'évaluer des variables les plus influentes dans le modèle et donc de créer ensuite des modèles contenant moins de variables (celles jugées comme plus importantes). Ceci nous a donc permis de sélectionner les principaux features de notre modèle et obtenir ainsi un modèle plus performant que celui contenant l'ensemble des variables.

Les features sélectionnés pour notre meilleur modèle (meilleur score) sont:

5. Protocole de validation croisée

La validation croisée est réalisée par l'algorithme de Random Forest lui-même. Deux tiers ds données sont utilisés pour l'apprentissage et le reste pour le test du modèle.

6. Présentation des résultats

Choix du nombre d'arbres

Choix du nombre de variables tirées aléatoirement avec remise à chaque étape de l'algorithme

Matrice de transition finale sur le training set avec la validation croisée réalisée. histogramme des erreurs et importance des variables

7. Bibliographie